

茨城県内で発生した結核集団感染事例における全ゲノム解析の実施

○熊本有美, 梅澤美穂, 後藤慶子, 永田紀子

茨城県衛生研究所

【はじめに】現在、茨城県では病原体サーベイランスとして、24 領域 VNTR 型別法による結核菌分子疫学解析を実施している。そのなかには、VNTR 型別が一致しているが、疫学的関連性が不明なクラスターが存在している。それらの関連性を明らかにするため、当所では次世代シーケンサーを用いた全ゲノム解析の実施を検討している。今回、より詳細な感染伝播状況を明らかにすることを目的に、総合病院 A (VNTR 型別一致 6 株) 及び精神科病院 B (VNTR 型別一致 6 株, 1 領域違い 1 株) の結核集団感染 2 事例について、全ゲノム解析を実施したので報告する。

【方法】小川培地に発育した結核菌から抽出した DNA を QIAseq FX DNA Library kit(QIAGEN)によりライブラリ調製し、MiSeq(Illumina)によりリードデータを取得した。データ解析は TGS-TB (国立感染症研究所病原体ゲノム解析研究センター作成) により実施した。

【結果】総合病院 A の 6 株は、すべて完全一致であった。一方、精神科病院 B の 7 株は、3 株は完全一致、2 株はそれぞれ 1SNV(single nucleotide variant)差で非常に近縁であったが、2 株はそれぞれ 10SNV 差と 13SNV 差であり、やや異なっていた。

【考察】総合病院 A ではすべての株が一致していることから、非常に短期間での感染伝播であることが明らかとなった。一方、精神科病院 B については、やや異なる 2 株が含まれていた。保健所の疫学調査によると、多くが長期入院患者であり、既感染者も含まれていた。特にやや異なった 2 株は、本事例以前に接触者健診で LTBI と診断された患者由来であったため、今回の感染ではなく、再燃の可能性が考えられた。

【まとめ】全ゲノム解析を実施し、従来の VNTR 型別より精度の高い菌株間の比較をすることで、詳細な感染伝播状況を明らかにすることが可能である。VNTR 型別と併用していくことで、接触者健診範囲や追加調査内容の決定等に活用でき、感染拡大防止対策の一助となると考えられる。